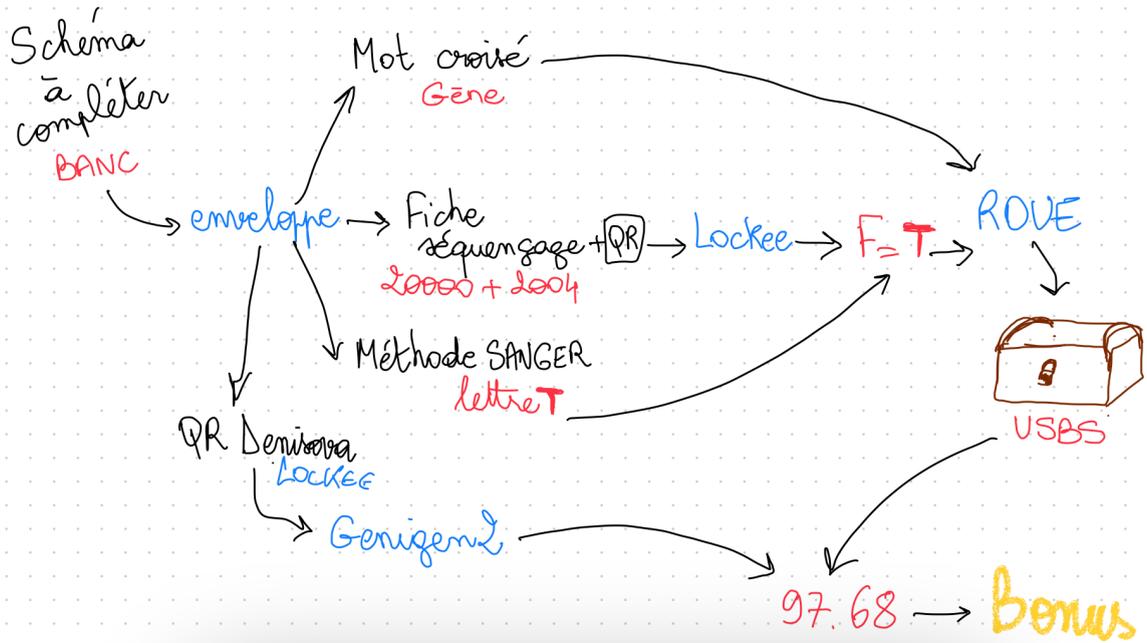


ORGANIGRAMME DE L'ENQUÊTE

en rouge les mots réponses

en noir les énigmes

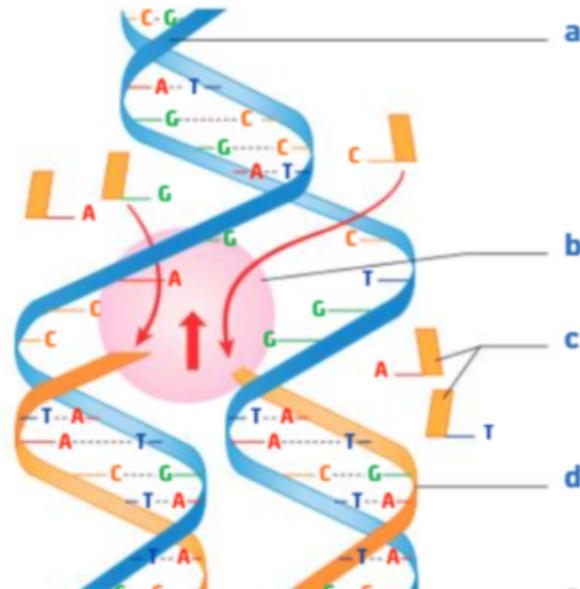
en bleu les outils



ENQUÊTE SUR NOTRE GÉNOME

Annoter un schéma

Indiquez les légendes à placer sur ce schéma et un titre.



Les 1eres lettres te donneront le mot de passe pour commencer ton enquête

collé sur une enveloppe

Etude d'un nouveau fossile découvert

La grotte de Denisova se trouve dans le massif de l'Altai en Russie, à proximité des frontières avec la Chine et la Mongolie. Elle est étudiée depuis les années 1970 et a livré de nombreux artefacts attestant de son occupation depuis 280 000 ans.

En 2008 une phalange a été découverte dans des sédiments datés de 50 000 à 30 000 ans.

À cette époque, on connaît au moins deux espèces appartenant au genre *Homo* : *Homo sapiens* (comme l'homme de Cro Magnon, qui est en fait notre espèce) et *Homo neanderthalensis*.



La phalange trouvée à Denisova. Thilo Parg/Wikimedia, CC BY-SA

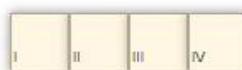
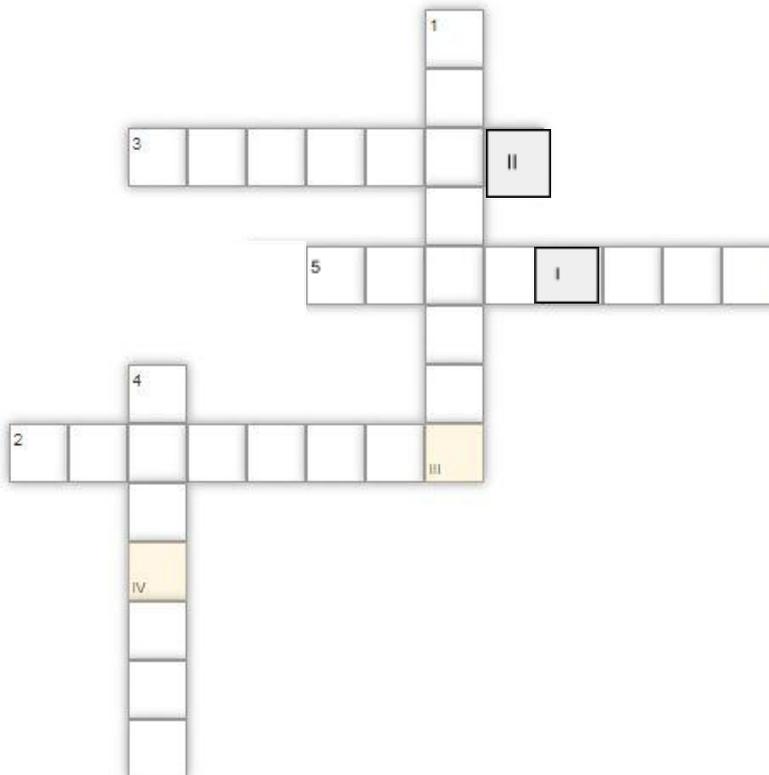
Les chercheurs ont pu extraire et séquencer l'ADN mitochondrial de la phalange, comme avait pu en 1997 être séquencé l'ADN mitochondrial de fossiles de l'Homme de Néanderthal et montrer ainsi qu'il s'agissait bien d'une espèce différente de la nôtre, car la séquence obtenue était significativement différente de celle d'un *Homo sapiens*.

(texte inspiré des publications ac. Versailles SVT)

EST CE UNE NOUVELLE ESPÈCE? EST- ELLE PROCHE DES 2 ESPÈCES CONNUES ?

ENSEMBLE DES DOCUMENTS SE TROUVANT DANS L'ENVELOPPE :

	Descriptions
1	changement d'un ou plusieurs nucléotides
2	mutation par un nucléotide enlevé
3	mutation provoquée
4	les changements de séquence en crée de nouveaux
5	Les UV en sont un

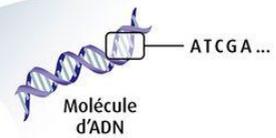
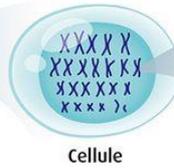


réponse GÈNE

Le séquençage du génome humain

Séquencer un génome =

Connaître l'enchaînement des bases de l'ADN sur les 46 chromosomes



Quelques caractéristiques du génome humain	Date du premier séquençage complet	Taille du génome	Nombre de gènes	Proportion de gènes codants	Proportion de gènes à la fonction connue
	2004	3 milliards de paires de bases	≈ 20 000	<p>ADN codant ADN non codant</p>	<p>Portions d'ADN aux fonctions connues Portions d'ADN aux fonctions inconnues</p>

COMBIEN DE GENES POSSEDE L' ESPECE HUMAINE HOMO SAPIENS ?



DATE DU 1 ER SÉQUENÇAGE COMPLET DU GÉNOME HUMAIN



J ADDITIONNE LES CHIFFRES TROUVÉS



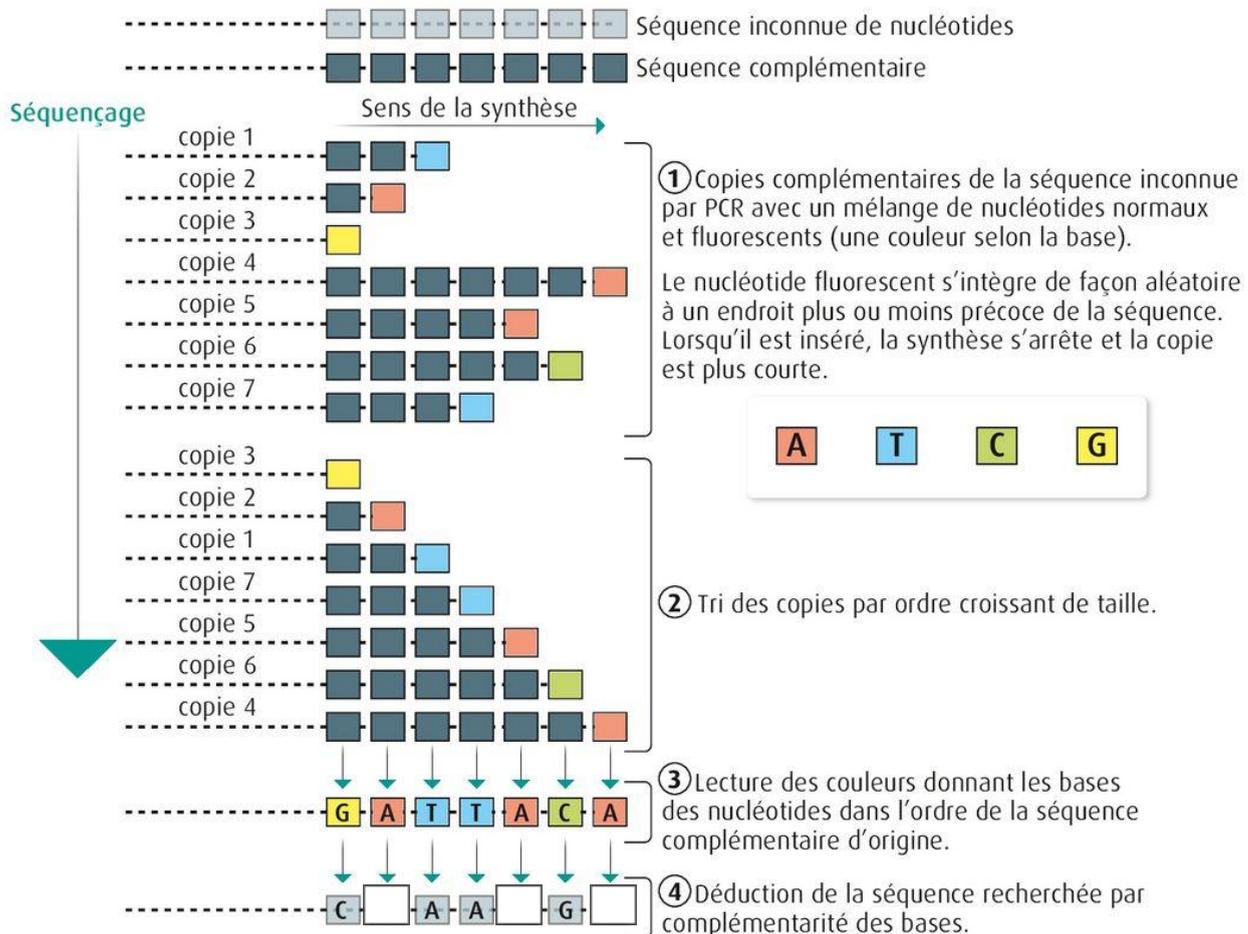
CORRECTION du cadenas 1 LOCKEE : mdp 22004

texte qui s'affiche : => utilise la roue César pour décoder le mot caché dans le mots- croisés
F = lettre manquante de Sanger



La méthode de séquençage de Sanger- 1977

Frederick Sanger invente une méthode de séquençage de l'ADN en utilisant l'ADN polymérase afin de déterminer les nucléotides présents dans une séquence inconnue. L'enzyme synthétise de nouveaux brins en utilisant des nucléotides normaux ou fluorescents. Quand un nucléotide fluorescent se fixe, cela entraîne l'arrêt de l'ADN polymérase.

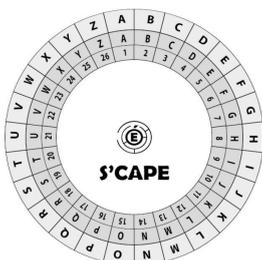


© Belin Éducation/Humensis, 2019 SVT 1re enseignement de spécialité
© Amandine Wanert

QUEL NUCLÉOTIDE MANQUE-T-IL?



correction : l'élève utilise ce document pour déverrouiller le cadenas 3 à lettres et utilise le nucléotide trouvé T pour transformer le mot GÈNE en utilisant la roue César (papier ou numérique)



Réponse : GENE = USBS



PAR QUELLE MÉTHODE A-T-ON PERMIS DE RECONSTITUER CET ADN de DENISOVA ?



correction du cadenas 2 lockee : mdp sanger

texte qui s'affiche : ouvre Genigen2 pour comparer l'ADN de cette phalange de Denisova avec Néanderthal et Sapiens- relève le pourcentage de similitudes entre l'ADN de denisova et ADN de neanderthal
fais un **tableau de comparaison pour ouvrir le coffre**

résultats attendus :

Similarité (ou ressemblance) entre les séquences :
(en % d'identité)

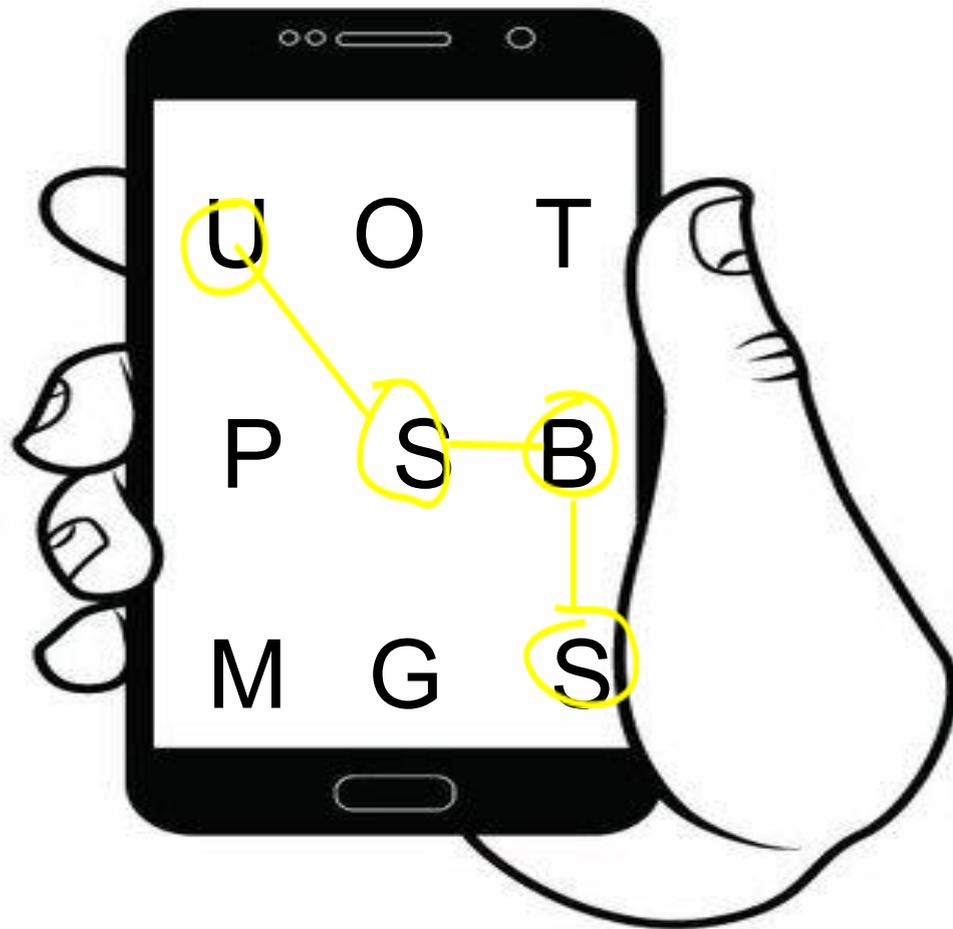
	<i>ADNmt sapiens</i>	<i>ADNmt denisova</i>	<i>ADNmt neandertalensis</i>
<i>ADNmt sapiens</i>	100	97,59	98,75
<i>ADNmt denisova</i>	97,59	100	97,68
<i>ADNmt neandertalensis</i>	98,75	97,68	100

Le pourcentage d'identité est calculé en divisant le nombre d'identités ("matches") par la longueur de l'alignement des 2 séquences.

code à relever 97.68

code trouvé GENE =USBS

ouverture du cadenas 3 .



lien vers un NOUVEAU CODE 4 à entrer 97.68

ouverture cadenas final :

Cadenas ouvert !

Vous êtes des champions !
POUR GAGNER UN POINT BONUS au prochain controle, il ne vous reste plus qu'à expliquer comment vous avez trouvé à qui appartient la phalange trouvée à Denisova.
techniques ? comparaison ?

© LOCKEE.fr

RÉPONSE ATTENDUE:

On cherche à déterminer l'espèce à laquelle appartient le reste fossile retrouvé dans la grotte de Denisova. Je sais que la méthode de séquençage de Sanger permet de reconstituer un ADN fossile inconnu. Je vais alors comparer l'ADN retrouvé avec des ADN connus comme celui de homo sapiens et homo neanderthalensis. En comparant les séquences de nucléotides je peux relever un pourcentage de différences (tableau à construire). Je vois que l'ADN de Denisova retrouvé présente 97.59 % de différence avec l'ADN de l'Homo Sapiens et 97,68 % de différence avec l'ADN de l'Homo Néanderthalensis. Je sais que cette différence est significative. J'en déduis que l'ADN fossile retrouvé appartient à une nouvelle espèce.